

Figure 1 : Alignment of the BASB053 polynucleotide sequences.
Identity to SeqID No.1 is indicated by a dot and Gap is indicated by a dash.

```

                *           20           *
Seqid1 : ATGGGACAGTTTATGTCAGTTTCCGCATC : 30
Seqid3 : ----- : -

                40           *           60
Seqid1 : AATATGACCGCCGCCACGGTTTTGGCAGCA : 60
Seqid3 : -----...T.... : 8

                *           80           *
Seqid1 : CTTTCGTCTTCGGTTTTTGCCGCACAAACG : 90
Seqid3 : ----- : -

                100           *           120
Seqid1 : GCGGATTTGGAAACCGTCCACATCAAAGGG : 120
Seqid3 : ----- : 29

                *           140           *
Seqid1 : CAGCGTTCGTACAACGCGATTGTCACCGAG : 150
Seqid3 : ..... : 59

                160           *           180
Seqid1 : AAAAACGGCGATTACAGCTCGTTTGCCGTC : 180
Seqid3 : ..... : 89

                *           200           *
Seqid1 : ACCGTCGGCACAAAATCCCCGCTTCTTTG : 210
Seqid3 : ..... : 119

```

09889267.01192

220 * 240
 Seqid1 : CGCGAAATTCCGCAATCCGTCAGTATCATC : 240
 Seqid3 : : 149

* 260 *
 Seqid1 : ACCAACCAGCAGGTCAAAGACCGCAATGTT : 270
 Seqid3 : : 179

280 * 300
 Seqid1 : GATACGTTTGACCAGTTGGCGCGCAAAACG : 300
 Seqid3 : : 209

* 320 *
 Seqid1 : CCCGGCCTGCGCGTGTTGAGCAACGATGAC : 330
 Seqid3 : : 239

340 * 360
 Seqid1 : GGACGCTCTTCGGTTTACGCGCGCGGTTAC : 360
 Seqid3 : : 269

* 380 *
 Seqid1 : GAATACAGCGAATAACAACATCGACGGCCTG : 390
 Seqid3 : : 299

400 * 420
 Seqid1 : CCCGCGCAGATGCAGAGTATCAACGGCACG : 420
 Seqid3 : : 329

09889267.01.102

3/15

| | | | | |
|--------|---|--------------------------------|---|-----|
| | * | 440 | * | |
| Seqid1 | : | CTGCCCAATCTGTTCGCCTTCGACCGCGTG | : | 450 |
| Seqid3 | : | | : | 359 |
| | | | | |
| | | 460 | * | 480 |
| Seqid1 | : | GAAGTGATGCGCGGGCCGAGCGGACTGTTC | : | 480 |
| Seqid3 | : | | : | 389 |
| | | | | |
| | * | 500 | * | |
| Seqid1 | : | GACAGCAGCGGCGAGATGGGCGGTATCGTG | : | 510 |
| Seqid3 | : | | : | 419 |
| | | | | |
| | | 520 | * | 540 |
| Seqid1 | : | AATCTGGTGCGCAAACGCCCGACCAAAGCG | : | 540 |
| Seqid3 | : | | : | 449 |
| | | | | |
| | * | 560 | * | |
| Seqid1 | : | TTCCAAGGTCATGCTGCGGCAGGGTTCGGT | : | 570 |
| Seqid3 | : | | : | 479 |
| | | | | |
| | | 580 | * | 600 |
| Seqid1 | : | ACGCACAAACAATATAAAGCCGAGGCGGAC | : | 600 |
| Seqid3 | : | | : | 509 |
| | | | | |
| | * | 620 | * | |
| Seqid1 | : | GTATCGGGCAGCCTCAATTCAGACGGCAGC | : | 630 |
| Seqid3 | : | | : | 539 |
| | | | | |
| | | 640 | * | 660 |
| Seqid1 | : | GTGCGCGGCCGCGTGATGGCGCAGACCGTC | : | 660 |
| Seqid3 | : | | : | 569 |

09/889267-000000

Seqid1 : GGCGCGTCTCCGCGTCCCGCCGAGAAAAAC : 690
Seqid3 : : 599

Seqid1 : AACCGGCACGAAACCTTCTACGCGGCGGCG : 720
Seqid3 : : 629

Seqid1 : GATTGGGACATCAACCCCGATACGGTTTTG : 750
Seqid3 : : 659

Seqid1 : GGCGCGGGCTATCTTTACCAGCAACGCCAC : 780
Seqid3 : : 689

Seqid1 : CTCGCGCCGTACAACGGCTTGCCAGCCGAT : 810
Seqid3 : : 719

Seqid1 : GCCAATAACAAATTACCGTCCCTGCCGCAA : 840
Seqid3 : : 749

Seqid1 : CACGTATTTGTCTGGCGCGGATTGGAACAAA : 870
Seqid3 : : 779

09889267.04.15

5/15

880 * 900
Seqid1 : TTATAAATGAACAGCCACGACGTGTTTGCC : 900
Seqid3 : : 809

* 920 *
Seqid1 : GATTTGAAACATTACTTCGGCAACGGCGGC : 930
Seqid3 : : 839

940 * 960
Seqid1 : TACGGCAAAGTCGGTATGCGCTATTCCGAC : 960
Seqid3 : : 869

* 980 *
Seqid1 : CGCGATGCCGACTCCAACCTATGCCTTTGCC : 990
Seqid3 : : 899

1000 * 1020
Seqid1 : GGCAGCAAGCTGGGCATGAAAACCCCGGCA : 1020
Seqid3 : : 929

* 1040 *
Seqid1 : GGCCGCCCCGGGCTGCAATACGGCTGACGAC : 1050
Seqid3 : : 959

1060 * 1080
Seqid1 : AAAGCCTGCGCGGTGGGTTTGGGTACAGAA : 1080
Seqid3 : : 989

* 1100 *
Seqid1 : ATCAAACAAAAAGCCCTCGCGTTTGACGCC : 1110
Seqid3 : : 1019

09889267.04.17.02

1120 * 1140
Seqid1 : AGCTACAGCAGGCCTTTCCGCTTGGGCAAT : 1140
Seqid3 : : 1049

* 1160 *
Seqid1 : ACGGCCAACGAATTTGTCATCGGCGCCGAT : 1170
Seqid3 : : 1079

1180 * 1200
Seqid1 : TACAACCGCTTCCGCAGCACCAACGAACAA : 1200
Seqid3 : : 1109

* 1220 *
Seqid1 : GGCCGTACTACTTTATATGCACGCGGCGGC : 1230
Seqid3 : : 1139

1240 * 1260
Seqid1 : CTGGCTTTAAACGAGTTCCGCAGCATACCG : 1260
Seqid3 : : 1169

* 1280 *
Seqid1 : CAGGTTGATTTGATTGCCAACGCGCGCAA : 1290
Seqid3 : : 1199

1300 * 1320
Seqid1 : GGCGTGCGCGGTTACAGCCATACCGTCGCT : 1320
Seqid3 : : 1229

09889267-011702

7/15

* 1340 *

Seqid1 : ACCGAAAACCTCGACGAATTCGGCATTAC : 1350

Seqid3 : : 1259

1360 * 1380

Seqid1 : GGCAAATCCACCTTCCATCCTGCCGACGGG : 1380

Seqid3 : : 1289

* 1400 *

Seqid1 : CTGTCGCTTATCGGCGGCGGACGTTTGGGA : 1410

Seqid3 : : 1319

1420 * 1440

Seqid1 : CACTATAAAATCGAGTCGGGCGAAGGCAAA : 1440

Seqid3 : : 1349

* 1460 *

Seqid1 : ACCCTGCACAAAGCCAGCAAAACCAAGTTC : 1470

Seqid3 : : 1379

1480 * 1500

Seqid1 : ACCGGCTACGCAGGCGCGGTTTACGACTTG : 1500

Seqid3 : : 1409

* 1520 *

Seqid1 : AACGACAACAACAGCCTCTACCTGAGCCTG : 1530

Seqid3 : : 1439

1540 * 1560

Seqid1 : TCCCAGCTCTACACACCGCAAACCAACCTC : 1560

Seqid3 : : 1469

09/889267-011702

```

*               1760               *
Seqid1  :  CGCGTGATGGAAGGCGTTGAGACCGAAATC  :  1770
Seqid3  :  .....                          :  1679

```


9/15

1780 * 1800
Seqid1 : AGCGGCGCGGTTACACCGAAATGGCAAATC : 1800
Seqid3 : : 1709

* 1820 *
Seqid1 : CATGCAGGTTACAGCTATCTGCACAGCCAA : 1830
Seqid3 : : 1739

1840 * 1860
Seqid1 : ATCAAAACCGCCTCCAATTCACGCGACGAC : 1860
Seqid3 : : 1769

* 1880 *
Seqid1 : GGCATCTTCCTGCTGATGCCCAAACACAGC : 1890
Seqid3 : : 1799

1900 * 1920
Seqid1 : GCAAACCTGTGGACGACTTACCAAGTTACG : 1920
Seqid3 : : 1829

* 1940 *
Seqid1 : CCCGAGCTGACCATCGGCGGCGGAGTGAAC : 1950
Seqid3 : : 1859

1960 * 1980
Seqid1 : GCGATGAGCGGCATTACTTCATCTGCAGGG : 1980
Seqid3 : : 1889

* 2000 *
Seqid1 : ATGCATGCAGGCGGTTATGCCACGTTTCGAT : 2010
Seqid3 : : 1919

09889267-011702

10/15

2020 * 2040
Seqid1 : GCGATGGCGGCATACCGCTTCACGCCCAAG : 2040
Seqid3 : : 1949

* 2060 *
Seqid1 : CTGAAGCTGCAAATCAACGCCGACAACATC : 2070
Seqid3 : : 1979

2080 * 2100
Seqid1 : TTCAACCGCCATTACTACGCCCGCGTCGGC : 2100
Seqid3 : : 2009

* 2120 *
Seqid1 : GGCGCGAACACCTTTAACATTCCCGGTTCG : 2130
Seqid3 : : 2039

2140 * 2160
Seqid1 : GAGCGCACCTGGACGGCAAACCTGCGTTAC : 2160
Seqid3 :G.CT..... : 2069

Seqid1 : AGTTTTTTAA : 2169
Seqid3 : : 2078

09889267-044702

Figure 2 : Alignment of the BASB053 polypeptide sequences.
Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot and Gap is indicated by a dash.

```

                *           20           *
Seqid2 : MGQFMSVFRINMTAATVLAALSSSVFAAQT : 30
Seqid4 : .----- : 1

                40           *           60
Seqid2 : ADLETVHIKGQRSYNAIVTEKNGDYSSFAV : 60
Seqid4 : --.GNR..... : 29

                *           80           *
Seqid2 : TVGTKIPASLREIPQSVSIITNQQVKDRNV : 90
Seqid4 : ..... : 59

                100           *           120
Seqid2 : DTFDQLARKTPGLRVLSNDDGRSSVYARGY : 120
Seqid4 : ..... : 89

                *           140           *
Seqid2 : EYSEYNIDGLPAQM QSINGTLPNLFAFDRV : 150
Seqid4 : ..... : 119

                160           *           180
Seqid2 : EVMRGPSGLFDSSGEMGGIVNLVRKRPTKA : 180
Seqid4 : ..... : 149

                *           200           *
Seqid2 : FQGHAAAGFGTHKQYKAEADVSGSLNSDGS : 210
Seqid4 : ..... : 179

```

09889267-011702

12/15

220 * 240
Seqid2 : VRGRVMAQTVGASPRPAEKNNRHETFYAAA : 240
Seqid4 : : 209

* 260 *
Seqid2 : DWDINPDTVLGAGYLYQQRHLAPYNGLPAD : 270
Seqid4 : : 239

280 * 300
Seqid2 : ANNKLPQLPQHVFVGADWNKFKMNSHDVFA : 300
Seqid4 : : 269

* 320 *
Seqid2 : DLKHYFGNGGYGKVGMRYSRDRDADSNYAFA : 330
Seqid4 : : 299

340 * 360
Seqid2 : GSKLGMKTPAGRPGCNTADDKACAVGLGTE : 360
Seqid4 : : 329

* 380 *
Seqid2 : IKQKALAFDASYSRPFRLGNTANEFVIGAD : 390
Seqid4 : : 359

400 * 420
Seqid2 : YNRFRSTNEQGRTTLYARGGLALNEFRSIP : 420
Seqid4 : : 389

09889267-011702

13/15

```

      *           440           *
Seqid2 : QVDLIANARKGVRGYSHTVATENLDEFGIY : 450
Seqid4 : ..... : 419

      460           *           480
Seqid2 : GKSTFHPADGLSLIGGGRLGHYKIESGEGK : 480
Seqid4 : ..... : 449

      *           500           *
Seqid2 : TLHKASKTKFTGYAGAVYDLNDNNSLYLSL : 510
Seqid4 : ..... : 479

      520           *           540
Seqid2 : SQLYTPQTNLDADGKLLKPRQGNQFEVGYK : 540
Seqid4 : ..... : 509

      *           560           *
Seqid2 : GSYMDDRLNARVSFYRMKDKNAAAPLNPNN : 570
Seqid4 : ..... : 539

      580           *           600
Seqid2 : KKTRYAALGKRVMIEGVETEISGAVTPKWQI : 600
Seqid4 : ..... : 569

      *           620           *
Seqid2 : HAGYSYLHSQIKTASNSRDDGIFLLMPKHS : 630
Seqid4 : ..... : 599

      640           *           660
Seqid2 : ANLWTTYQVTPELTIGGGVNAMSGITSSAG : 660
```

09889267.01.1702

14/15

Seqid4 : : 629

Seqid2 : MHAGGYATFDAMAAYRFTP^{*}KLKLQINADNI^{*} : 690
Seqid4 : : 659

Seqid2 : FNRHYYARVGGANTFNI⁷⁰⁰PGSERTWTANLRY⁷²⁰ : 720
Seqid4 :L..... : 689

Seqid2 : SF : 722
Seqid4 : .. : 691

09889267-041702

15/15

Figure 3: Expression of recombinant BASB053 in *E. coli* Top10 cells. SDS-PAGE electrophoresis of bacterial protein extracts corresponding to controle (lane 1, strain carrying plasmid pBADgIII) or recombinant (lane 2, pBADgIII-BASB053) *E. coli* Top10 cells.

